

SCHWEIZERISCHE EIDGENOSSENSCHAFT CONFÉDÉRATION SUISSE CONFEDERAZIONE SVIZZERA

Bescheinigung

Die beiliegenden Akten stimmen überein mit den ursprünglichen technischen Unterlagen des auf der nächsten Seite bezeichneten Patentgesuches für die Schweiz und Liechtenstein.

Attestation

Les documents ci-joints sont conformes aux pièces techniques originales de la demande de brevet pour la Suisse et le Liechtenstein * spécifiée à la page suivan-

Attestazione

Gli uniti documenti sono conformi agli atti tecnici originali della domanda di brevetto per la Svizzera e il Liechtenstein * specificata nella pagina seguente.

Bern. 15. Juni 1990

Bundesamt für geistiges Eigentum Office fédéral de la propriété intellectuelle Ufficio federale della proprietà intellettuale

Der Sektionschef/Le chef de section/II capo di sezione



^{*} Die Schwelz und das Fürstentum Liechtenstein bilden ein elnheitliches Schutzgebiet. Der Schutz kann deshalb nur für beide Länder gemeinsam beantragt werden.

^{*} La Suisse et la Principauté de Liechtenstein constituent un territoire unitaire de protection. La protection ne peut donc êtro revendiquée que pour l'ensemble des deux Etats.

Le Svizzera e il Principato di Liechtenstein formano un unico territtorio di protezione. Le protezione può dunque essere rivendicata solamente per l'insieme dei due Stati.

THIS PAGE BLANK (USPTO)

Voraussichtliche Klasse(n): C07K/A01N/C07H/C12N Patentgesuch Nr. 00 746/90-4

Patent-

F. Hoffmann-La Roche AG

bewerber:

Grenzacherstrasse 124

4002 Basel

Postfach

Schweiz

Titel:

TNF-bindender Proteine.

Datum der Anmeldung: 08.03.90

Priorität: -

Referenz: RAN 4105/125-001

THIS PAGE BLANK (USPTO)

garage and Toxes Exemplar Exemplaire invariable Esemplare immutabile

F.HOFFMANN-LA ROCHE AG, Basel/Schweiz

RAN 4105/125-001

5

TNF-bindende Proteine

10

15

Tumor Nekrosis Faktor a (TNFa, auch Cachectin), auf Grund seiner haemorragisch-nekrotisierenden Wirkung auf bestimmte Tumoren entdeckt, und Lymphotoxin (TNFB) sind zwei nahe verwandte Peptidfaktoren [3] aus der Klasse der Lymphokine/Cytokine, die im folgenden beide als TNF bezeichnet werden [siehe Uebersichtsarbeiten 2 und 3]. TNF verfügt über ein breites zelluläres Wirkungsspektrum. Beispielsweise besitzt TNF inhibierende oder cytotoxische Wirkung auf eine Reihe von Tumorzelllinien [2,3], stimuliert die Proliferation von Fibroblasten und die phagozytierende/cytotoxische 25 Aktivität von myeloischen Zellen [4,5,6], induziert Adhäsionsmoleküle in Endothelzellen oder übt eine inhibierende Wirkung auf Endothel aus [7,8,9,10], inhibiert die Synthese von spezifischen Enzymen in Adipozyten [11] und induziert die Expression von Histokompatibilitätsantigenen 30 [12]. Manche dieser TNF-Wirkungen werden über eine Induktion von anderen Faktoren oder durch synergistische Effekte mit anderen Faktoren, wie beispielsweise Interferonen oder Interleukinen erzielt [13-16].

TNF ist bei einer Reihe von pathologischen Zuständen, beispielsweise Schockzuständen bei Meningococcen-Sepsis [17], bei der Entwicklung von Autoimmun-Glomerulonephritis bei Mäusen [18] oder bei cerebraler Malaria bei Mäusen [19] und beim Menschen [41] involviert. Ganz allgemein scheinen die toxischen Wirkungen von Endotoxin durch TNF vermittelt zu sein [20]. Weiterhin kann TNF wie Interleukin-1 Fieber auslösen [39]. Auf Grund der pleiotropen funktionellen Eigenschaften von TNF kann man annehmen, dass TNF in Wechselwirkung mit anderen Cytokinen bei einer ganzen Reihe weiterer pathologischer Zustände als Mediator von Immunantwort. Entzündung oder anderen Prozessen beteiligt ist.

Diese biologischen Effekte werden durch TNF über spezi-15 fische Rezeptoren vermittelt, wobei nach heutigem Wissensstand sowohl TNFa wie TNFB an die gleichen Rezeptoren binden [21]. Verschiedene Zelltypen unterscheiden sich in der Anzahl von TNF-Rezeptoren [22,23,24]. Solche ganz allgemein gesprochen TNF-bindenden Proteine (TNF-BP) wurden durch 20 kovalente Bindung an radioaktiv markiertes TNF nachgewiesen [24-29], wobei die folgenden scheinbaren Molekulargewichte der erhaltenen TNF/TNF-BP-Komplexe ermittelt wurden: 95/100 kD und 75 kD [24], 95 kD und 75 kD [25], 138 kD, 90 kD, 75 kD und 54 kD [26], 100±5 kD [27], 97 kD und 25 70 kD [28] und 145 kD [29]. Mittels anti-TNF-Antikörper--Immunoaffinitätschromatographie und präparativer SDS-Polyacrylamidgelelektrophorese (SDS-PAGE) konnte ein solcher TNF/TNF-BP-Komplex isoliert werden [27]. Die reduktive Spaltung dieses Komplexes und anschliessende SDS-PAGE-Ana-30 lyse ergab mehrere Banden, die allerdings nicht auf TNF-Bindeaktivität getestet wurden. Da die spezifischen Bedingungen, die zu der Spaltung des Komplexes verwendet werden müssen, zur Inaktivierung des Bindeproteins führen [31], ist letzteres auch nicht möglich gewesen. Die 35 Anreicherung von löslichen TNF-BP aus dem humanen Serum oder Urin mittels Ionenaustauscher-Chromatographie und Gelfiltration (Molekulargewichte im Bereich von 50 kD) wurde von

Olsson et al. beschrieben [30].

Brockhaus et al. [32] erhielten durch TNFa-Ligandenaffinitätschromatographie und HPLC aus Membranextrakten von HL60-Zellen eine angereicherte TNF-BP-Präparation, die wiederum als Antigenpräparation zur Herstellung von monoklonalen Antikörpern gegen TNF-BP verwendet wurde. Unter Verwendung eines solchen immobilisierten Antikörpers (Immunaffinitätschromatographie) wurde mittels TNFα-Liganden-10 affinitätschromatographie und HPLC von Loetscher und Brockhaus [31] aus einem Extrakt von humaner Placenta eine angereicherte Präparation von TNF-BP erhalten, die in der SDS-PAGE-Analyse eine starke breite Bande bei 35 kD, eine schwache Bande bei etwa 40 kD und eine sehr schwache Bande im Bereich zwischen 55 kD und 60 kD ergab. Im übrigen zeigte das Gel im Bereich von 33 kD bis 40 kD einen Proteinhintergrundschmier. Die Bedeutung der so erhaltenen Proteinbanden war jedoch im Hinblick auf die Heterogenität des verwendeten Ausgangsmaterials (Placenta-Gewebe: vereinigtes 20 Material aus mehreren Placenten) nicht klar.

Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind nichtlösliche Proteine und lösliche oder nichtlösliche Fragmente davon, die TNF binden (TNF-BP), in homogener Form, sowie deren physiologisch verträgliche Salze. Bevorzugt sind solche Proteine, die gemäss SDS-PAGE unter nicht reduzierenden Bedingungen durch scheinbare Molekulargewichte von etwa 55 kD. 51 kD. 38 kD. 36 kD und 34 kD bzw. 75 kD und 65 kD charakterisiert sind, insbesonders solche mit etwa 55 kD und 75 kD. Weiterhin bevorzugt sind solche Proteine, die durch wenigstens eine der folgenden Aminosäureteilsequenzen gekennzeichnet sind:

(IA) Leu-Val-Pro-His-Leu-Gly-Asp-Arg-Glu-Lys-Arg-Asp-Ser-Val-Cys-Pro-Gln-Gly-Lys-Tyr-Ile-His-Pro-Gln-X-Asn-Ser-Ile

35

- (IB) Ser-Thr-Pro-Glu-Lys-Glu-Gly-Glu-Leu-Glu-Gly-Thr-Thr-Thr-Lys
- (IIA) Ser-Gln-Leu-Glu-Thr-Pro-Glu-Thr-Leu-Leu-Gly-Ser-Thr-Glu-Glu-Lys-Pro-Leu
- (IIB) Val-Phe-Cys-Thr

- (IIC) Asn-Gln-Pro-Gln-Ala-Pro-Gly-Val-Glu-Ala-Ser-Gly-Ala-Gly-Glu-Ala
- (IID) Leu-Pro-Ala-Gln-Val-Ala-Phe-X-Pro-Tyr-Ala-Pro-Glu-Pro-Gly-Ser-Thr-Cys
- 10 (IIE) Ile-X-Pro-Gly-Phe-Gly-Val-Ala-Tyr-Pro-Ala-Leu-Glu
 - (IIF) Leu-Cys-Ala-Pro
 - (IIG) Val-Pro-His-Leu-Pro-Ala-Asp
 - (IIH) Gly-Ser-Gln-Gly-Pro-Glu-Gln-Gln-X-X-Leu-Ile-X-Ala-Pro
- wobei X für einen Aminosäurerest steht, der nicht eindeutig bestimmt werden konnte.

Im Stand der Technik sind bereits TNF-BP durch eine N-terminale Teilsequenz charakterisiert worden [Europäische 20 Patentanmeldung mit der Publikations-Nr. 308 378], wobei sich diese Sequenz von der erfindungsgemässen N-terminalen Teilsequenz gemäss Formel (IA) unterscheidet. Im übrigen handelt es sich aber bei den im Stand der Technik beschriebenen TNF-Bindeproteinen um aus dem Urin isolierte.

25 lösliche, d.h. nicht membrangebundene, TNF-BP und nicht um membrangebundene, d.h. unlösliche, TNF-BP.

Gegenstand der vorliegenden Anmeldung sind auch Verfahren zur Isolierung der erfindungsgemässen TNF-BP. Diese 30 Verfahren sind dadurch charakterisiert, dass man im wesentlichen die folgenden Reinigungsschritte nacheinander ausführt: Herstellung eines Zell- oder Gewebeextraktes, Immunaffinitätschromatographie und/oder ein- oder mehrfache Ligandenaffinitätschromatographie, hochauflösende Flüssig- 35 keitschromatographie (HPLC) und präparative SDS-Polyacrylamidgelelektrophorese (SDS-PAGE). Die Kombination der aus

dem Stand der Technik bekannten einzelnen Reinigungsschritte ist für den Erfolg des erfindungsgemässen Verfahrens essentiell, wobei einzelne Schritte im Rahmen der zu lösenden Aufgabe modifiziert und verbessert wurden. So wurde beispielsweise der ursprünglich für die Anreicherung von TNF-BP aus humaner Placenta [31] verwendete kombinierte Immunaffinitätschromatographie/TNFa-Ligandenaffinitätschroma tographie-Schritt dadurch abgeändert, dass eine BSA-Sepharose 4B-Vorsäule verwendet wurde. Diese Vorsäule wurde zum Auftrag des Zell- oder Membranextraktes in Reihe mit der Immunaffinitätssäule und gefolgt von der Ligandenaffinitätssäule geschaltet. Nach Auftrag des Extraktes wurden die beiden zuletztgenannten Säulen abgekoppelt, jede für sich eluiert und die TNF-BP-aktiven Fraktionen wurden nochmals über eine Ligandenaffinitätssäule gereinigt. Erfindungswesentlich für die Durchführung des Umkehrphasen-HPLC--Schrittes ist die Verwendung eines Detergens-haltigen Lösungsmittelgemisches.

Ferner ist auch ein technisches Verfahren zum Erzielen hoher Zelldichten von Säugerzellen, aus denen TNF-BP isoliert werden können, Gegenstand der vorliegenden Erfindung. Ein solches Verfahren zeichnet sich dadurch aus, dass ein Medium, welches für die spezifischen Wachstumserfordernisse 25 der verwendeten Zelllinie entwickelt wurde, in Verbindung mit einer wie z.B. im Detail in Beispiel 2 beschriebenen Perfusionsapparatur verwendet wird. Mittels eines solchen Verfahrens lassen sich beispielsweise für HL-60-Zellen bis zu mehr als 20-fach höhere Zelldichten als üblich erzielen.

30

5

10

15

20

Zusätzlich dazu betrifft die vorliegende Erfindung auch DNA-Sequenzen, die für Proteine und lösliche oder nichtlösliche Fragmente davon, die TNF binden, kodieren. Bevorzugt sind DNA-Sequenzen, welche für ein solches Protein mit 35 einem scheinbaren Molekulargewicht von etwa 55 kD kodieren, wobei die in Abbildung 1 dargestellte Sequenz besonders bevorzugt ist, wie Sequenzen, die für nichtlösliche wie

lösliche Fragmente von solchen Proteinen kodieren. Eine besonders bevorzugte DNA-Sequenz, die für ein nichtlösliches Protein-Fragment kodiert, reicht von Nukleotid -185 bis 1122 der in Abbildung 1 gezeigten Sequenz. Besonders bevorzugte DNA-Sequenzen, die für lösliche Protein--Fragmente kodieren, sind solche, die von Nukleotid -185 bis 633 bzw. von Nukleotid -14 bis 633 der in Abbildung 1 gezeigten Sequenz reichen. Die vorliegende Erfindung betrifft natürlich auch die von solchen DNA-Sequenzen kodierten rekombinanten Proteine. Selbstverständlich sind 10 dabei auch solche Proteine umfasst, in deren Aminosäuresequenzen, beispielsweise mittels gezielter Mutagenese, Aminosäuren so ausgetauscht worden sind, dass dadurch die Aktivität der TNF-BP oder deren Fragmente, nämlich die Bindung von TNF oder die Wechselwirkung mit anderen, an der Signalübertragung beteiligten Membrankomponenten, in einer gewünschten Art verändert oder erhalten wurden. Aminosäureaustausche in Proteinen und Peptiden, die im allgemeinen die Aktivität solcher Moleküle nicht verändern, sind im Stand der Technik bekannt und beispielsweise von H. Neurath und R.L. Hill in "The Proteins" (Academic Press. New York, 1979, siehe besonders Figur 6, Seite 14) beschrieben. Die am häufigsten vorkommenden Austausche sind: Ala/Ser, Val/Ile, Asp/Glu, Thr/Ser, Ala/Gly, Ala/Thr. 25 Ser/Asn, Ala/Val, Ser/Gly, Tyr/Phe, Ala/Pro, Lys/Arg, Asp/Asn, Leu/Ile, Leu/Val, Ala/Glu, Asp/Gly, sowie solche in umgekehrter Weise. Die vorliegende Erfindung betrifft ferner Vektoren, die erfindungsgemässe DNA-Sequenzen enthalten und zur Transformation von geeigneten pro- wie eukaryotischen 30 Wirtssystemen geeignet sind, wobei solche Vektoren bevorzugt sind, deren Verwendung zur Expression der von den erfindungsgemässen DNA-Sequenzen kodierten Proteine führt. Schliesslich betrifft die vorliegende Erfindung auch noch mit solchen Vektoren transformierte pro- wie eukaryotische 35 Wirtssysteme, wie Verfahren zur Herstellung von erfindungsgemässen rekombinanten Verbindungen durch Kultivierung

solcher Wirtssysteme und anschliessende Isolierung dieser Verbindungen aus den Wirtssystemen selbst oder deren Kulturüberständen.

Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind auch pharmazeutische Präparate, die wenigstens eines dieser TNF-BP oder Fragmente davon, gewünschtenfalls in Verbindung mit weiteren pharmazeutisch wirksamen Substanzen und/oder nicht-toxischen, inerten, therapeutisch verträglichen Trägermateria-10 lien enthalten.

5

Die vorliegende Erfindung betrifft schliesslich die Verwendung solcher TNF-BP einerseits zur Herstellung pharmazeutischer Präparate bzw. andererseits zur Behandlung von 15 Krankheiten, bevorzugt solchen, in deren Verlauf TNF involviert ist.

Ausgangsmaterial für die erfindungsgemässen TNF-BP sind ganz allgemein Zellen, die solche TNF-BP in membrangebunde-20 ner Form enthalten und die dem Fachmann ohne Beschränkungen allgemein zugänglich sind, wie beispielsweise HL60- [ATCC Nr. CCL 240], U 937- [ATCC Nr. CRL 1593], SW 480- [ATCC Nr. CCL 228] und HEp2-Zellen [ATCC Nr. CCL 23]. Diese Zellen können nach bekannten Methoden des Standes der Technik [40] 25 oder zum Erzielen hoher Zelldichten nach dem bereits allgemein und im Detail für HL60-Zellen in Beispiel 2 beschriebenen Verfahren kultiviert werden. TNF-BP können dann nach bekannten Methoden des Standes der Technik mittels geeigneter Detergenzien, beispielsweise Triton X-114, 1-0-n-Octyl-30 -ß-D-glucopyranosid (Octylglucosid), oder 3-[(3-Cholylamidopropyl)-dimethylammonio]-1-propan sulfonat (CHAPS), im besonderen mittels Triton X-100, aus den aus dem Medium abzentrifugierten und gewaschenen Zellen extrahiert werden. Zum Nachweis solcher TNF-BP können die üblicherweise verwen-35 deten Nachweismethoden für TNF-BP, beispielsweise eine Polyäthylenglykol-induzierte Fällung des 125 I-TNF/TNF-BP-Komplexes [27], im besonderen Filterbindungstests mit radio-

aktiv markiertem TNF gemäss Beispiel 1, verwendet werden. Zur Gewinnung der erfindungsgemässen TNF-BP können die generall zur Reinigung von Proteinen, insbesondere von Membranproteinen, verwendeten Methoden des Standes der Technik, wie beispielsweise Ionenaustausch-Chromatographie, Gelfiltration, Affinitätschromatographie, HPLC und SDS-PAGE verwendet werden. Besonders bevorzugte Methoden zur Herstellung erfindungsgemässer TNF-BP sind Affinitätschromatographie, insbesondere mit TNF-α als an die Festphase 10 gebundenen Liganden und Immunaffinitätschromatographie, HPLC und SDS-PAGE. Die Elution von mittels SDS-PAGE aufgetrennten TNF-BP Banden kann nach bekannten Methoden der Proteinchemie erfolgen, beispielsweise mittels Elektroelution nach Hunkapiller et al. [34], wobei nach heutigem Stand des Wissens die dort angegebenen Elektro-Dialysezeiten generell zu verdoppeln sind. Danach noch verbleibende Spuren von SDS können dann gemäss Bosserhoff et al. [50] entfernt werden.

Die so gereinigten TNF-BP können mittels der im Stand 20 der Technik bekannten Methoden der Peptidchemie, wie beispielsweise N-terminale Aminosäuresequenzierung oder enzymatische wie chemische Peptidspaltung charakterisiert werden. Durch enzymatische oder chemische Spaltung erhaltene Fragmente können nach gängigen Methoden, wie beispielsweise 25 HPLC, aufgetrennt und selbst wieder N-terminal sequenziert werden. Solche Fragmente, die selbst noch TNF binden, können mittels der obengenannten Nachweismethoden für TNF-BP identifiziert werden und sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

30

15

Ausgehend von der so erhältlichen Aminosäuresequenzinformation oder den in Figur 1 dargestellten DNA- wie Aminosäuresequenzen können unter Beachtung der Degeneration des genetischen-Codes nach im Stand der Technik bekannten 35 Methoden geeignete Oligonukleotide hergestellt werden [51]. Mittels dieser können dann wiederum nach bekannten Methoden der Molekularbiologie [42,43] cDNA- oder genomische

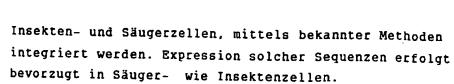
DNA-Banken nach Klonen, die für TNF-BP kodierende Nukleinsäuresequenzen enthalten, abgesucht werden. Ausserdem können mittels der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) [49] cDNA-Fragmente kloniert werden, indem von zwei auseinanderliegenden, relativ kurzen Abschnitten der Aminosäuresequenz unter Beachtung des genetischen Codes vollständig degenerierte und in ihrer Komplementarität geeignete Oligonucleotide als "Primer" eingesetzt werden, wodurch das zwischen diesen beiden Sequenzen liegende Fragment amplifiziert und identi-10 fiziert werden kann. Die Bestimmung der Nukleotidsequenz eines derartigen Fragmentes ermöglicht eine unabhängige Bestimmung der Aminosäure-Sequenz des Proteinfragments, für das es kodiert. Die mittels der PCR erhältlichen cDNA-Fragmente können ebenfalls, wie bereits für die Oligonukleotide 15 selbst beschrieben, nach bekannten Methoden zum Aufsuchen von für TNF-BP kodierende Nukleinsäuresequenzen enthaltenden Klonen aus cDNA- bzw. genomische DNA-Banken verwendet werden. Solche Nukleinsäuresequenzen können dann nach bekannten Methoden sequenziert werden [42]. Aufgrund der so 20 bestimmten wie der für bestimmte Rezeptoren bereits bekannten Sequenzen, können solche Teilsequenzen, die für lösliche TNF-BP-Fragmente kodieren, bestimmt und mittels bekannter Methoden aus der Gesamtsequenz herausgeschnitten werden [42].

5

25

Die gesamte Sequenz oder solche Teilsequenzen können dann mittels bekannter Methoden in im Stand der Technik beschriebene Vektoren zu deren Vervielfältigung wie Expression in Prokaryoten integriert werden [42]. Geeignete prokaryotische Wirtsorganismen stellen beispielsweise gram-30 -negative wie gram-positive Bakterien, wie beispielsweise E. coli Stämme, wie E. coli HB 101 [ATCC Nr. 33 694] oder E. coli W3110 [ATCC Nr. 27 325] oder B. subtilis Stämme dar.

Weiterhin können erfindungsgemässe Nukleinsäure-35 sequenzen, die für TNF-BP sowie für TNF-BP-Fragmente kodieren, in geeignete Vektoren zur Vermehrung wie Expression in eukaryotischen Wirtszellen, wie beispielsweise Hefe,



Ein typischer Expressionsvektor für Säugerzellen enthält ein effizientes Promotorelement, um eine gute Transkriptionsrate zu erzielen, die zu exprimierende DNA-Sequenz und Signale für eine effiziente Termination und Polyadenylierung des Transkripts. Weitere Elemente, die verwendet werden können, sind "Enhancer", welche zu nochmals verstärkter Transkription führen und Sequenzen, welche z.B. eine längere Halbwertszeit der mRNA bewirken können.

Die meisten Vektoren, die für eine transiente Expression
einer bestimmten DNA-Sequenz in Säugerzellen verwendet
werden, enthalten den Replikationsursprung des SV40 Virus.
In Zellen, die das T-Antigen des Virus exprimieren, (z.B.
COS-Zellen), werden diese Vektoren stark vermehrt. Eine
vorübergehende Expression ist aber nicht auf COS-Zellen
beschränkt. Im Prinzip kann jede transfektierbare Säugerzelllinie hierfür verwendet werden. Signale, die eine starke
Transkription bewirken können, sind z.B. die frühen und
späten Promotoren von SV40, der Promoter und Enhancer des
"major immediate-early" Gens des HCMV (humaner Cytomegalovirus), die LTRs ("long terminal repeats") von Retroviren,
wie beispielsweise RSV, HIV und MMTV. Es können aber auch
Signale von zellulären Genen, wie z.B. die Promotoren des
Aktin- und Collagenase-Gens, verwendet werden.

Alternativ können aber auch stabile Zelllinien, die die spezifische DNA-Sequenz im Genom (Chromosom) integriert haben, erhalten werden. Hierzu wird die DNA-Sequenz zusammen mit einem selektierbaren Marker, z.B. Neomycin, Hygromycin, Dihydrofolat-Reduktase (dhfr) oder Hypoxanthin-Guanin-Phosphoribosyltransferase (hgpt) kotransfektiert. Die stabil ins Chromosom eingebaute DNA-Sequenz kann auch noch stark vermehrt werden. Ein geeigneter Selektionsmarker hierfür ist

beispielsweise die Dihydrofolat-Reduktase (dhfr). Säugerzellen (z.B. CHO-Zellen), welche kein intaktes dhfr-Gen
enthalten, werden hierbei nach erfolgter Transfektion mit
steigenden Mengen von Methotrexat inkubiert. Auf diese Weise
können Zelllinien erhalten werden, welche mehr als tausend
Kopien der gewünschten DNA-Sequenz enthalten.

Säugerzellen, welche für die Expression verwendet werden können, sind z.B. Zellen der menschlichen Zelllinien Hela

[ATCC CCL2] und 293 [ATCC CRL 1573], sowie 3T3- [ATCC CCL 163] und L-Zellen, z.B. [ATCC CCL 149], (CHO)-Zellen [ATCC CCL 61], BHK [ATCC CCL 10]-Zellen sowie die CV 1 [ATCC CCL 70]- und die COS-Zelllinien [ATCC CRL 1650, CRL 1651].

Geeignete Expressionsvektoren umfassen beispielsweise
Vektoren wie pBC12MI [ATCC 67 109], pSV2dhfr [ATCC 37 146],
pSVL [Pharmacia, Uppsala, Sweden], pRSVcat [ATCC 37 152] und
pMSG [Pharmacia, Uppsala, Sweden]. Besonder bevorzugte
Vektoren sind die in Beispiel 9 verwendeten Vektoren "pK19"
und "pN123". Diese können aus den mit ihnen transformierten
E. coli-Stämmen HB101(pK19) und HB101(pN123) nach bekannten
Methoden isoliert werden [42]. Diese E. coli-Stämme wurden
am 26. Januar 1990 bei der Deutschen Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH (DSM) in Braunschweig, BRD
unter DSM 5761 für HB101(pK19) und DMS 5764 für HB101(pN123)
hinterlegt.

Die Art und Weise wie die Zellen transfektiert werden hängt vom gewählten Expressions- und Vektorsystem ab. Eine 30 Uebersicht über diese Methoden findet man z.B. bei Pollard et al., "DNA Transformation of Mammalian Cells" in "Methods in Molecular Biology" [Nucleic Acids Vol. 2, 1984, Walker, J.M., ed, Humana, Clifton, New Jersey]. Weitere Methoden findet man bei Chen und Okayama ["High-Efficiency Transformation of Mammalian Cells by Plasmid DNA", Molecular and Cell Biology 7, 2745-2752, 1987] und bei Felgner [Felgner et al., "Lipofectin: A highly efficient, lipid-mediated

DNA-transfection procedure", Proc. Nat. Acad. Sci. USA 84, 7413-7417, 1987].

Zur Expression in Insektenzellen kann das Baculovirus--Expressions-System, welches schon für die Expression einer Reihe von Proteinen erfolgreich eingesetzt worden ist (für eine Uebersicht siehe Luckow and Summers, Bio/Technology 6, 47-55, 1988), verwendet werden. Rekombinante Proteine können authentisch oder als Fusionsproteine hergestellt werden. Die 10 so hergestellten Proteine können auch modifiziert, wie beispielsweise glykosyliert (Smith et al., Proc. Nat. Acad. Sci. USA 82, 8404-8408, 1987) sein. Für die Herstellung eines rekombinanten Baculovirus, der das gewünschte Protein exprimiert, verwendet man einen sogenannten "Transfer-15 vektor". Hierunter versteht man ein Plasmid, welches die heterologe DNA-Sequenz unter der Kontrolle eines starken Promoters, z.B. dem des Polyhedringens, enthält, wobei diese auf beiden Seiten von viralen Sequenzen umgeben ist. Besonders bevorzugte Vektoren sind die in Beispiel 10 verwendeten 20 Vektoren "pN113", "pN119" und "pN124". Diese können aus den mit ihnen transformierten E. coli-Stämmen HB101(pN113), HB101(pN119) und HB101(pN124) nach bekannten Methoden isoliert werden [42]. Diese E. coli-Stämme wurden am 26. Januar 1990 bei der Deutschen Sammlung von Mikroorganismen und 25 Zellkulturen GmbH (DSM) in Braunschweig, BRD, unter DSM 5762 für HB101(pN113), DSM 5763 für HB101(pN119) und DSM 5765 für HB101(pN124) hinterlegt. Der Transfervektor wird dann zusammen mit DNA des Wildtyp-Baculovirus in die Insektenzellen transfektiert. Die in den Zellen durch homologe 30 Rekombination entstehenden rekombinanten Viren können dann nach bekannten Methoden identifiziert und isoliert werden. Eine Uebersicht über das Baculovirus-Expressionssystem und der dabei verwendeten Methoden findet man bei Luckow und Summers [52]. -

Exprimierte TNF-BP wie ihre nichtlöslichen oder löslichen Fragmente können dann nach im Stand der Technik

35

bekannten Methoden der Proteinchemie, wie beispielsweise den bereits auf Seiten 5-6 beschriebenen Verfahren, aus der Zellmasse oder den Kulturüberständen gereinigt werden.

Die erfindungsgemäss erhaltenen TNF-BP können auch als Antigene zur Erzeugung von poly- und monoklonalen Antikörpern nach bekannten Methoden der Technik [44,45] oder gemäss dem in Beispiel 3 beschriebenen Verfahren verwendet werden. Solche Antikörper, insbesondere monoklonale Antikörper gegen die 75 kD-TNF-BP-Spezies, sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung. Solche gegen die 75 kD TNF-BP gerichtete Antikörper können durch dem Fachmann geläufige Modifikationen des in den Beispielen 4-6 im Detail beschriebenen Reinigungsverfahrens zur Isolierung von TNF-BP eingesetzt werden.

Auf Grund der hohen Bindungsaffinität erfindungsgemässer TNF-BP für TNF (K_d-Werte in den Grössenordnungen von 10⁻⁹ – 10⁻¹⁰M) können diese oder Fragmente davon als Diagnostika zum Nachweis von TNF in Serum oder anderen Körperflüssigkeiten nach im Stand der Technik bekannten Methoden, beispielsweise in Festphasenbindungstests oder in Verbindung mit Anti-TNF-BP-Antikörpern in sogenannten "Sandwich"-Tests, eingesetzt werden.

25

5

Im übrigen können erfindungsgemässe TNF-BP einerseits zur Reinigung von TNF und andererseits zum Auffinden von TNF-Agonisten sowie TNF-Antagonisten nach im Stand der Technik bekannten Verfahren verwendet werden.

30

Die erfindungsgemässen TNF-BP sowie deren physiologisch verträgliche Salze, die nach im Stand der Technik bekannten Methoden hergestellt werden können, können auch zur Herstellung von pharmazeutischen Präparaten, vor allem solchen zur Behandlung von Krankheiten, bei deren Verlauf TNF involviert ist, verwendet werden. Dazu kann eine oder mehrere der genannten Verbindungen, falls wünschenswert bzw. erforder-

lich in Verbindung mit anderen pharmazeutisch aktiven Substanzen, mit den üblicherweise verwendeten festen oder flüssigen Trägermaterialien in bekannter Weise verarbeitet werden. Die Dosierung solcher Präparate kann unter Berücksichtigung der üblichen Kriterien in Analogie zu bereits verwendeten Präparaten ähnlicher Aktivität und Struktur erfolgen.

Nachdem die Erfindung vorstehend allgemein beschrieben worden ist, sollen die folgenden Beispiele Einzelheiten der Erfindung veranschaulichen, ohne dass diese dadurch in irgendeiner Weise eingeschränkt wird.

Beispiel 1

15

Nachweis von TNF-bindenden Proteinen

Die TNF-BP wurden in einem Filtertest mit humanem radiojodiertem ¹²⁵I-TNF nachgewiesen. TNF (46,47) wurde mit Na I (IMS40, Amersham, Amersham, England) und Iodo-Gen (#28600, Pierce Eurochemie, Oud-Beijerland, Niederlande) nach Fraker und Speck [48] radioaktiv makiert. Zum Nachweis der TNF-BP wurden isolierte Membranen der Zellen oder ihre solubilisierten, angereicherten und gereinigten Fraktionen 25 auf angefeuchtete Nitrocellulose-Filter (0.45 μ, BioRad, Richmond, California, USA) aufgetragen. Die Filter wurden dann in Pufferlösung mit 1% entfettetem Milchpulver blockiert und anschliessend mit 5•10⁵ cpm/ml 125 I-TNF α (0.3-1.0•10⁸ cpm/ μ g) in zwei Ansätzen 30 mit und ohne Beigabe von 5µg/ml nicht-markiertem TNFa inkubiert, gewaschen und luftgetrocknet. Die gebundene Radioaktivität wurde autoradiographisch semiquantitativ nachgewiesen oder in einem γ-Counter gezählt. Die spezifische 125 I-TNF- α -Bindung wurde nach Korrektur für 35 unspezifische Bindung in Anwesenheit von unmarkiertem TNF-a im Ueberschuss ermittelt. Die spezifische TNF-Bindung im Filtertest wurde bei verschiedenen

TNF-Konzentrationen gemessen und nach Scatchard analysiert [33], wobei ein K_d -Wert von ~ 10^{-9} - 10^{-10} M ermittelt wurde.

Beispiel 2

Zellextrakte von HL-60-Zellen

5

HL60 Zellen [ATCC-Nr. CCL 240] wurden in experimentellem Labormasstab in einem RPMI 1640-Medium [GIBCO-Katalog Nr. 074-01800], das noch 2 g/l NaHCO₃ und 5% fötales Kälberserum enthielt, in einer 5% CO₂-Atmosphäre kultiviert und anschliessend zentrifugiert.

Zum Erzielen hoher Zelldichten in technischem Masstab 15 wurde folgendermassen verfahren. Die Züchtung wurde in einem 75 l Airliftfermenter (Fa. Chemap, Schweiz) mit 58 l Arbeitsvolumen durchgeführt. Hierfür wurde das Kassettenmembransystem "PROSTAK" (Millipore, Schweiz) mit einer $_{20}$. Membranfläche von 0,32 m 2 (1 Kassette) in den äusseren Zirkulationskreislauf integriert. Das Kulturmedium (siehe Tabelle 1) wurde mit einer Watson-Marlow Pumpe, Typ 603U. mit 5 l/min. umgepumpt. Nach einer Dampfsterilisation der Anlage, wobei das "PROSTAK" System im Autoklaven separat 25 sterilisiert wurde, wurde die Fermentation mit wachsenden HL-60 Zellen aus einem 20 1 Airliftfermenter (Chemap) gestartet. Die Zellzüchtung im Impffermenter erfolgte im konventionellen Batchverfahren in dem Medium gemäss Tabelle 1 und einem Startzelltiter von 2x10⁵ Zellen/ml. Nach 4 30 Tagen wurde der HL60 Ansatz mit einem Titer von 4,9x10⁶ Zellen/ml in den 75 l Fermenter überführt. Der pH-Wert wurde bei 7,1 und der pO₂ Wert bei 25% Sättigung gehalten, wobei der Sauerstoffeintrag durch eine mikroporöse Fritte erfolgte. Nach ænfänglicher Batchfermentation wurde am 2. 35 Tag die Perfusion bei einem Zelltiter von 4x10⁶ Zellen/ml mit 30 l Mediumsaustausch pro Tag gestartet. Auf der Filtratseite der Membran wurde das konditionierte Medium

abgezogen und durch den Zulauf von frischem Medium ersetzt. Das Zulaufmedium wurde wie folgt verstärkt: Primatone von 0,25% auf 0.35%, Glutamin von 5 mM auf 6 mM und Glucose von 4 g/l auf 6 g/l. Die Perfusionsrate wurde dann am 3. und 4. Tag auf 72 l Medium/Tag und am 5. Tag auf 100 l Medium/Tag erhöht. Nach 120 Stunden der kontinuierlichen Züchtung wurde die Fermentation beendet. Unter den gegebenen Fermentationsbedingungen erfolgte exponentielles Zellwachstum bis 40x10⁶ Zellen/ml. Die Verdopplungszeit der Zellpopulation betrug bis 10x10⁶ Zellen/ml 20-22 Stunden und stieg dann mit zunehmender Zelldichte auf 30-36 Stunden an. Der Anteil der lebenden Zellen lag während der gesamten Fermentationszeit bei 90-95%. Der HL-60 Ansatz wurde dann im Fermenter auf ca. 12°C heruntergekühlt und die Zellen durch Zentrifugation (Beckman-Zentrifuge [Modell J-6B, Rotor JS], 3000 rpm, 10 min., 4°C) geerntet.

Tabelle 1

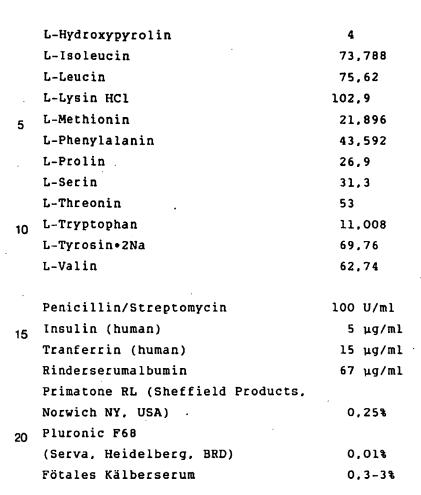
HL-60 Medium	
Komponenten	Konzentrationen
	mg/l
CaCl ₂ (wasserfrei)	112,644
Ca(NO ₃) ₂ •4H ₂ O	20
CuSO ₄ • 5H ₂ O	0,498•10 ⁻³
Fe(NO ₃) ₃ •9H ₂ O	0,02
• • •	0,1668
KC1	336,72
KNO ₃	0.0309
MgCl ₂ (wasserfrei)	11,444
MgSO ₄ (wasserfrei)	68,37
NaCl	5801,8
Na ₂ HPO ₄ (wasserfrei)	188,408
5 .	75
Na ₂ SeO ₃ •5H ₂ O	9,6•10 ⁻³
ZnSO ₄ • 7H ₂ O	0,1726
	CaCl ₂ (wasserfrei) Ca(NO ₃) ₂ •4H ₂ O CuSO ₄ •5H ₂ O Fe(NO ₃) ₃ •9H ₂ O FeSO ₄ •7H ₂ O KCl KNO ₃ MgCl ₂ (wasserfrei) MgSO ₄ (wasserfrei) NaCl Na ₂ HPO ₄ (wasserfrei) NaH ₂ PO ₄ •H ₂ O Na ₂ SeO ₃ •5H ₂ O

\$\\ \text{\$\frac{1}{2}\cdot\} \\ \text{\$\frac

	D-Glucose	4000	•	
	Glutathion (red.)	0.2		
	Hepes-Puffer	2383,2		
	Hypoxanthin	0,954		
5	Linolsäure	0,0168		
	Liponsäure	0.042		
	Phenolrot	10,24		
	Putrescin 2HCl	0,0322		
	Na-Pyruvat	88		
10	Thymidin	0,146		
	Biotin	0,04666		
	D-Ca-Pantothenat	2,546		
	Cholinchlorid	5,792		
	Folsäure	2.86		
15	i-Inositol	11,32		•
	Niacinamid	2,6		
	Nicotinamid	0,0074		
	para-Aminobenzoesäure	0,2		
20	Pyridoxal HCl	2,4124		
	Pyridoxin HCl	0,2		
	Riboflavin	0,2876		:
	Thiamin HCl	2,668		
	Vitamin B ₁₂	0,2782		
		·		
25	L-Alanin	11,78		
	L-Asparaginsäure	10		
	L-Asparagin H ₂ O	14,362		
	L-Arginin	40		
	L-Arginin HCl	92,6		
30	L-Aspartat	33,32		
	L-Cystin 2HCl	62,04		
	L-Cystein HCl•H ₂ O	7,024		
	L-Glutaminsäure	36,94		
	L-Glutamin -	730		
35	L-Glycin	21,5		
	L-Histidin	3		

27,392

L-Histidin HCl•H₂O



Das Zentrifugat wurde mit isotonem Phosphatpuffer (PBS; 0.2 g/l KCl, 0.2 g/l KH₂PO₄, 8.0 g/l NaCl, 2.16 g/l Na₂HPO₄ • 7H₂O), der mit 5% Dimethylformamid, 10 mM Benzamidin, 100 E/ml Aprotinin, 10 µM Leupeptin, 1 µM Pepstatin, 1 mM o-Phenanthrolin, 5 mM Jodacetamid, 1 mM Phenylmethylsulfonylfluorid versetzt war (im folgenden als PBS-M bezeichnet), gewaschen. Die gewaschenen Zellen wurden bei einer Dichte von 2.5 · 10 Zellen/ml in PBS-M mit Triton X-100 (Endkonzentration 1.0%) extrahiert. Der Zellextrakt wurde durch Zentrifugation geklärt (15 '000 x g, 1 Stunde; 100 '000 x g, 1 Stunde).

Beispiel 3

Herstellung von monoklonalen (TNF-BP)-Antikörpern

5

Ein gemäss Beispiel 2 erhaltener Zentrifugationsüberstand aus Kultivierung von HL60-Zellen im experimentellen Labormasstab wurde im Verhältnis 1:10 mit PBS verdünnt. Der verdünnte Ueberstand wurde bei 4°C auf eine Säule aufgetragen (Flussrate: 0,2 ml/min.), die 2 ml Affigel 10 enthielt (Bio Rad Katalog Nr. 153-6099), an das 20 mg rekombinantes humanes TNF- α [Pennica, D. et al. (1984) Nature 312, 724; Shirai, T. et al. (1985) Nature 313, 803; Wang, A.M. et al. (1985) Science 228, 149] gemäss den Empfehlungen des Herstellers gekoppelt worden war. Die Säule wurde bei 4°C und einer Durchflussrate von 1 ml/min zuerst mit 20 ml PBS, das 0,1% Triton X 114 enthielt und danach mit 20 ml PBS gewaschen. So angereichertes TNF-BP wurde bei 22°C und einer Flussrate von 2 ml/min mit 4 ml 100 mM Glycin, pH 2.8, 0,1% Decylmaltosid eluiert. Das Eluat wurde in einer Centricon 30 Einheit [Amicon] auf 10 µl konzentriert.

10 µl dieses Eluates wurden mit 20 µl vollständigem Freundschen Adjuvans zu einer Emulsion gemischt. Je 10 µl der Emulsion wurden gemäss dem von Holmdahl, R. et al. [(1985), J. Immunol. Methods 83, 379] beschriebenen Verfahren an den Tagen 0, 7 und 12 in eine hintere Fusspfote einer narkotisierten Balb/c-Maus injiziert.

Am Tag 14 wurde die immunisierte Maus getötet, der popliteale Lymphknoten herausgenommen, zerkleinert und in Iscove's Medium (IMEM, GIBCO Katalog Nr. 074-2200), das 2 g/l NaHCO₃ enthielt, durch wiederholtes Pipettieren suspendiert. Gemäss einem modifizierten Verfahren von De St.Groth und Scheidegger [J. Immunol. Methods (1980), 35, 1] wurden 5x10⁷ Zellen des Lymphknotens mit 5x10⁷ PAI Maus-Myelomazellen (J.W. Stocker et al., Research Disclosure, 217, Mai 1982, 155-157), die sich in logarithmischem

Wachstum befanden, fusioniert. Die Zellen wurden gemischt, durch Zentrifugation gesammelt und durch leichtes Schütteln in 2 ml 50% (v/v) Polyethylenglycol in IMEM bei Raumtemperatur resuspendiert und durch langsame Zugabe von 10 ml IMEM während 10 Minuten vorsichtigen Schüttelns verdünnt. Die Zellen wurden durch Zentrifugation gesammelt und in 200 ml vollständigem Medium [IMEM + 20% fötales Kälberserum, Glutamin (2,0 mM), 2-Mercaptoethanol (100 μM), 100 μM Hypoxanthine, 0,4 μM Aminopterine und 16 μM Thymidine (HAT)] resuspendiert. Die Suspension wurde auf 10 Gewebekulturschalen, die jeweils 96 Vertiefungen enthielten, verteilt und ohne Wechsel des Mediums bei 37°C in einer Atmosphäre von 5% CO₂ und einer relativen Luftfeuchtigkeit von 98% 11 Tage lang inkubiert.

15

Die Antikörper zeichnen sich aus durch ihre inhibierende Wirkung auf die TNF-Bindung an HL60-Zellen oder durch ihre Bindung an Antigen im Filtertest gemäss Beispiel 1. Zum Nachweis der biologischen Aktivität von anti(TNF-BP)-Antikörpern wurde folgendermassen verfahren: 5x10⁶ HL60 oder U937-Zellen wurden in vollständigem RPMI 1640 Medium zusammen mit affinitätsgereinigten monoklonalen anti--(TNF-BP)-Antikörpern oder Kontrollantikörpern (d.h. solchen, die nicht gegen TNF-BP gerichtet sind) in einem Konzentrationsbereich von 1 ng/ml bis 10 µg/ml inkubiert. Nach einer Stunde Inkubation bei 37°C wurden die Zellen durch Zentrifugation gesammelt und mit 4,5 ml PBS bei 0°C gewaschen. Sie wurden in 1 ml vollständigem RPMI 1640 Medium (Beispiel 2), das zusätzlich 0,1% Natriumazid und 125 I--TNFα (10⁶ cpm/ml) mit oder ohne Beigabe von unmarkiertem TNFa (s.o.) enthielt, resuspendiert. Die spezifische Radioaktivität des 125 I-TNFa betrug 700 Ci/mmol. Die Zellen wurden 2 Stunden bei 4°C inkubiert, gesammelt und 4 mal mit 4.5 m1 PBS, das 1% BSA und 0,001% Triton X 100 35 (Fluka) enthielt, bei 0°C gewaschen. Die an die Zellen gebundene Radioaktivität wurde in einem y-Scintillationszähler gemessen. In einem vergleichbaren Experiment wurde

die zellgebundene Radioaktivität von Zellen, die nicht mit anti-(TNF-BP)-Antikörpern behandelt worden waren, bestimmt (ungefähr 10 000 cpm/5x10 2ellen).

Beispiel 4

<u>Affinitätschromatographie</u>

5

Für die weitere Reinigung wurden jeweils ein gemäss Beispiel 3 erhaltener monoklonaler anti-(55 kD TNF-BP)-Anti-10 körper (2,8 mg/ml Gel), TNFa (3,0 mg/ml Gel) und Rinderserumalbumin (BSA, 8,5 mg/ml Gel) gemäss den Vorschriften des Herstellers kovalent an CNBr-aktivierte Sepharose 4B (Pharmacia, Uppsala, Schweden) gekoppelt. Der gemäss Beispiel 2 erhaltene Zellextrakt wurde über die so herge-15 stellten und in der folgenden Reihenfolge hintereinandergeschalteten Säulen geleitet: BSA-Sepharose-Vorsäule, Immunaffinitätssäule [Anti-(55 kD-TNF-BP)-Antikörper]. TNFα--Ligand-Affinitätssäule. Nach vollständigem Auftrag wurden 20: die beiden letztgenannten Säulen abgetrennt und einzeln für sich mit je 100 ml der folgenden Pufferlösungen gewaschen: (1) PBS, 1.0% Triton X-100, 10 mM Benzamidin, 100 E/ml Aprotinin: (2) PBS, 0,1% Triton X-100, 0,5M NaCl, 10 mM ATP, 10 mM Benzamidin, 100 E/ml Aprotinin; und (3) PBS, 0,1% Triton X-100, 10 mM Benzamidin, 100 E/ml Aprotinin. Sowohl die Immun- als auch die TNFα-Ligand-Affinitätssäule wurden dann mit 100 mM Glycin pH 2.5, 100 mM NaCl, 0,2% Decylmaltoside, 10 mM Benzamidin, 100 E/ml Aprotinin jede für sich eluiert. Die im Filtertest gemäss Beispiel 1 aktiven 30 Fraktionen jeder Säule wurden danach jeweils vereint und mit 1M Tris pH 8.0 neutralisiert.

Die so vereinten TNF-BP-aktiven Fraktionen der Immun-Affinitätschromatographie einerseits und der TNFa-Ligand35 -Affinitätschromatographie andererseits wurden zur weiteren
Reinigung nochmals auf je eine kleine TNFa-Ligand-Affinitätssäule aufgetragen. Danach wurden diese beiden Säulen mit

je 40 ml von (1) PBS, 1,0% Triton X-100, 10 mM Benzamidin, 100 E/ml Aprotinin, (2) PBS, 0,1% Triton X-100, 0,5M NaCl. 10 mM ATP, 10mM Benzamidin, 100 E/ml Aprotinin, (3) PBS, 0,1% Triton X-100, (4) 50 mM Tris pH 7.5, 150 mM NaCl, 1,0% NP-40, 1,0% Desoxycholat, 0,1% SDS, (5) PBS, 0,2% Decylmaltosid gewaschen. Anschliessend wurden die Säulen mit 100 mM Glycin pH 2.5, 100 mM NaCl, 0,2% Decylmaltosid eluiert. Fraktionen von 0,5 ml von jeder Säule wurden für sich gesammelt und die gemäss Filtertest (Beispiel 1) 10 aktiven Fraktionen von jeder Säule jeweils für sich vereint und in einer Centricon-Einheit (Amicon, Molekulargewichts--Ausschluss 10'000) aufkonzentriert.

Beispiel 5

- 15

20

Auftrennung mittels HPLC

Die gemäss Beispiel 4 erhaltenen aktiven Fraktionen wurden gemäss ihrer unterschiedlichen Herkunft (Immun- bzw. Ligand-Affinitätschromatographie) jeweils für sich auf Cl/C8 Umkehrphasen-HPLC-Säulen (ProRPC, Pharmacia, 5x20 mm), die mit 0,1% Trifluoressigsäure, 0,1% Octylglucosid equilibriert worden waren, aufgetragen. Die Säulen wurden dann mit einem linearen Acetonitril-Gradienten (0-80%) im gleichen Puffer 25 bei einem Fluss von 0.5 ml/min eluiert. Fraktionen von 1,0 ml wurden von jeder Säule gesammelt und die aktiven Fraktionen von jeder Säule für sich vereint (Nachweis gemäss Beispiel 1).

Beispiel 6

30

Auftrennung mittels SDS-PAGE

Die gemäss Beispiel 5 erhaltenen und gemäss Filtertest (Beispiel 1) aktiven Fraktionen wurden durch SDS-PAGE gemäss 35 [34] weiter aufgetrennt. Dazu wurden die Proben in SDS--Probenpuffer während 3 Minuten auf 95°C erhitzt und anschliessend auf einem 12% Acrylamid-Trenngel mit einem

5%igen Sammelgel elektrophoretisch aufgetrennt. Als Referenz zur Bestimmung der scheinbaren Molekulargewichte auf dem SDS-PAGE Gel wurden die folgenden Eichproteine verwendet: Phosphorylase B (97,4 kD), BSA (66,2 kD), Ovalbumin (42.7 kD), Carboanhydrase (31.0 kD), Soya Trypsin-Inhibitor (21,5 kD) und Lysozym (14,4 kD).

10

Unter den genannten Bedingungen wurden für Proben, die gemäss Beispiel 4 durch TNF-α-Ligandenaffinitätschromatographie von Immunaffinitätschromatographieeluaten erhalten und durch HPLC gemäss Beispiel 5 weiter aufgetrennt worden waren, zwei Banden von 55 kD und 51 kD sowie drei schwächere Banden von 38 kD, 36 kD und 34 kD erhalten. Diese Banden wurden in einem Mini Trans Blot System (BioRad, Richmond, California, USA) elektrophoretisch während 1 Stunde bei 100 V in 25 mM Tris, 192 mM Glycin, 20% Methanol auf eine PVDF-Membran (Immobilon, Millipore, Bedford, Mass. USA) transferiert. Danach wurde die PVDF-Membran entweder mit 0,15% Serva-Blau (Serva, Heidelberg, BRD) in Methanol/Was-20 'ser/Eisessig (50/40/10 Volumenteile) auf Protein gefärbt oder mit entfettetem Milchpulver blockiert und anschliessend zum Nachweis von Banden mit TNF-BP-Aktivität mit 125_{I-} -TNFa gemäss den in Beispiel 1 beschriebenen Filtertestbedingungen inkubiert. Dabei zeigte sich, dass alle in der 25 Proteinfärbung zur Darstellung gelangten Banden spezifisch TNFa banden. Alle diese Banden banden im Western Blot nach Towbin et al. [38] auch den gemäss Beispiel 3 hergestellten monoklonalen Anti-55kD-TNF-BP-Antikörper. Dabei wurde ein gemäss dem in Beispiel 1 beschriebenen Verfahren mit Na 125 I radioaktiv markierter, affinitätsgereinigter (Mausimmunglobulin-Sepharose-4B-Affinitätssäule) Kaninchen-anti-Maus-Immunoglobulin-Antikörper zum autoradiographischen Nachweis dieses Antikörpers eingesetzt.

Proben, die gemäss Beispiel 4 durch zweimalige TNF-α-35 -Ligandenaffinitätschromatographie des Durchlaufs der Immunaffinitätschromatographie erhalten und durch HPLC gemäss

Beispiel 5 weiter aufgetrennt worden waren, zeigten unter den oben spezifizierten SDS-PAGE- und Blottransfer-Bedingungen zwei zusätzliche Banden von 75 kD und 65 kD, die beide im Filtertest (Beispiel 1) spezifisch TNF banden. Im Western Blot gemäss Towbin et al. (s.o.) reagierten die Proteine dieser beiden Banden nicht mit dem gemäss Beispiel 3 hergestellten anti-(55 kD TNF-BP)-Antikörper. Sie reagierten allerdings mit einem monoklonalen Antikörper, der ausgehend von der 75 kD-Bande (anti-75 kD TNF-BP-Antikörper) gemäss Beispiel 3 erzeugt worden war.

Beispiel 7

Aminosäuresequenzanalyse

15

Zur Aminosäuresequenzanalyse wurden die gemäss Beispiel 5 erhaltenen und gemäss Filtertest (Beispiel 1) aktiven Fraktionen mittels der in Beispiel 6 beschriebenen, nun jedoch reduzierenden, SDS-PAGE Bedingungen (SDS-Probenpuffer 20 mit 125 mM Dithiothreitol) aufgetrennt. Es wurden die gleichen Banden wie gemäss Beispiel 6 gefunden, die allerdings auf Grund der reduzierenden Bedingungen der SDS-PAGE im Vergleich zu Beispiel 6 alle um etwa 1-2 kD höhere Molekulargewichte zeigten. Diese Banden wurden dann gemäss 25 Beispiel 6 auf PVDF-Membranen übertragen und mit 0,15% Serva-Blau in Methanol/Wasser/Eisessig (50/40/10 Volumen-- teile) während 1 Minute gefärbt, mit Methanol/Wasser/Eisessig (45/48/7 Volumenteile) entfärbt, mit Wasser gespült, luftgetrocknet und danach ausgeschnitten. Bei sämtlichen 30 Schritten wurden zur Vermeidung von N-terminaler Blockierung die von Hunkapiller [34] angegebenen Bedingungen eingehalten. Zunächst wurden die gereinigten TNF-BP unverändert zur Aminosäuresequenzierung eingesetzt. Um zusätzliche Sequenzinformation zu erhalten, wurden die TNF-BP nach 35 Reduktion und S-Carboxymethylierung [Jones, B.N. (1986) in "Methods of Protein Microcharacterisation", J.E. Shively, ed., Humana Press, Clifton NJ, 124-125] mit Bromcyan (Tarr,

٠..

G.E. in "Methods of Protein Microcharacterisation", 165-166, op.cit.), Trypsin und/oder Proteinase K gespalten und die Peptide mittels HPLC nach bekannten Methoden der Proteinchemie aufgetrennt. So vorbereitete Proben wurden dann in einem automatisierten Gasphasen-Mikrosequenzier-Gerät (Applied Biosystems Modell 470A, ABI, Foster City, Calif., USA) mit einem on-line nachgeschalteten automatisierten HPLC PTH-Aminosäureanalysator (Applied Biosystems Modell 120, ABI s.o.) sequenziert, wobei die folgenden Aminosäuresequenzen bestimmt wurden:

Für die 55 kD-Bande (gemäss nichtreduzierender SDS-PAGE):
 Leu-Val-Pro-His-Leu-Gly-Asp-Arg-Glu-Lys-Arg-Asp-Ser-Val Cys-Pro-Gln-Gly-Lys-Tyr-Ile-His-Pro-Gln-X-Asn-Ser-Ile,
 und
 Ser-Thr-Pro-Glu-Lys-Glu-Gly-Glu-Leu-Glu-Gly-Thr-Thr-Lys
 wobei X für einen Aminosäurerest steht, der nicht
 bestimmt werden konnte.

2., Für die 51 kD und die 38 kD-Banden (gemäss nichtreduzierender SDS-PAGE):
Leu-Val-Pro-His-Leu-Gly-Asp-Arg-Glu

3.. Für die 65 kD-Bande (gemäss nichtreduzierender SDS-PAGE): Bei der N-terminalen Sequenzierung der 65 kD Bande wurden bis zum 15. Rest ohne Unterbrechung zwei parallele Sequenzen ermittelt. Da eine der beiden Sequenzen einer Teilsequenz des Ubiquitins [36,37] entsprach, wurde für die 65 kD-Bande die folgende Sequenz abgeleitet:

10

20 -

Leu-Pro-Ala-Gin-Val-Ala-Phe-X-Pro-Tyr-Ala-Pro-Glu-Pro-Gly-Ser-Thr-Cys.

wobei X für einen Aminosäurerest steht, der nicht bestimmt werden konnte.

Weitere Peptidsequenzen für 75(65)kDa-TNF-BP wurden bestimmt:

Ile-X-Pro-Gly-Phe-Gly-Val-Ala-Tyr-Pro-Ala-Leu-Glu und Ser-Gln-Leu-Glu-Thr-Pro-Glu-Thr-Leu-Leu-Gly-Ser-Thr-Glu-Glu-Lys-Pro-Leu

Val-Phe-Cys-Thr

15 und

5

10

Asn-Gln-Pro-Gln-Ala-Pro-Gly-Val-Glu-Ala-Ser-Gly-Ala-Gly-Glu-Ala

und

und

Leu-Cys-Ala-Pro

20 und

Val-Pro-His-Leu-Pro-Ala-Asp

und

Gly-Ser-Gln-Gly-Pro-Glu-Gln-Gln-X-X-Leu-Ile-X-Ala-Pro

wobei X für einen Aminosäurerest steht, der nicht bestimmt werden konnte.

Beispiel 8

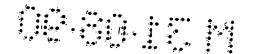
30 Bestimmung von Basen-Sequenzen von komplementärer DNA (cDNA)

Ausgehend von der Aminosäuresequenz gemäss Formel IA wurden unter Berücksichtigung des genetischen Codes zu den Aminosäureresten 2-7 und 17-23 entsprechende, vollständig degenerierte Oligonucleotide in geeigneter Komplementarität synthetisiert ("sense" and "antisense" Oligonucleotide). Totale zelluläre RNA wurde aus HL60-Zellen isoliert [42,

43], und der erste cDNA-Strang durch Oligo-dT-Priming oder durch Priming mit dem "antisense" Oligonucleotid mittels eines cDNA-Synthese-Kits (RPN 1256, Amersham, Amersham, England) gemäss der Anleitung des Herstellers synthetisiert. Dieser cDNA-Strang und die beiden synthetisierten degene-5 rierten "sense" und "anti-sense" Oligonucleotide wurden in einer Polymerase-Kettenreaktion (PCR, Perkin Elmer Cetus, Norwalk, CT, USA gemäss Anleitung des Herstellers) dazu verwendet, die für die Aminosäure-Reste 8-16 (Formel IA) codierende Basesequenz als cDNA-Fragment zu synthetisieren. 10 Die Basensequenz dieses cDNA-Fragmentes lautet: 5'-AGGGAGAAGAGAGATAGTGTGTCCC-3'. Dieses cDNA-Fragment wurde als Probe verwendet, um nach bekannten Verfahren einen für das 55 kD TNF-BP codierenden cDNA-Klon in einer Agtll-cDNA-Genbank von menschlicher Placenta zu identifi-15 zieren (42,43). Dieser Klon wurde dann nach üblichen Methoden aus dem λ -Vektor geschnitten und in die Plasmide pUC18 (Pharmacia, Uppsala, Sweden) und pUC19 (Pharmacia, Uppsala, Sweden) und in die Ml3mpl8/Ml3mpl9 Bacteriophagen (Pharmacia, Uppsala, Sweden) kloniert (42,43). Die Nukleo-20 tidsequenz dieses cDNA-Klons wurde mit einem Sequenase-Kit (U.S. Biochemical, Cleveland, Ohio, USA) nach den Angaben des Herstellers bestimmt. Die Nukleotidsequenz und die daraus abgeleitete Aminosäuresequenz für das 55 kD TNF-BP und dessen Signalpeptid (Aminosäure "-28" bis Aminosäure 25 "O") ist in Figur 1 mittels der im Stand der Technik üblichen Abkürzungen für Basen wie Aminosäuren dargestellt. Aus Sequenzvergleichen mit anderen, bereits bekannten Rezeptorproteinsequenzen lassen sich ungefähr 180 Amino-30 säuren enthaltende N-terminale wie 220 Aminosäure enthaltende C-terminale Domänen, die von einer nach den Sequenzvergleichen typischen Transmembran-Region von 19 Aminosäuren (in Figur 1 unterstrichen) getrennt werden, bestimmen. Hypothetische Glykosylierungsstellen sind in

35 Figur 1 durch Sterne über der entsprechenden Aminosäure

gekennzeichnet.



Beispiel 9

Expression in COS 1-Zellen

Für die Expression in COS-Zellen wurden Vektoren ausgehend von dem Plasmid "pNll" konstruiert. Das Plasmid "pNll" enthält den effizienten Promotor und Enhancer des "major immediate-early" Gens des menschlichen Cytomegalovirus ("HCMV"; Boshart et al., Cell 41, 521-530, 1985). Hinter dem Promotor befindet sich eine kurze DNA-Sequenz, welche mehrere Restriktionsschnittstellen enthält, die nur einmal im Plasmid vorkommen ("Polylinker"), u.a. die Schnittstellen für HindIII, Ball, BamHI und PvuII (siehe Sequenz).

15

5

PvulI

- 5'-AAGCTTGGCCAGGATCCAGCTGACTGACTGATCGCGAGATC-3'
- 3'-TTCGAACCGGTCCTAGGTCGACTGACTGACTAGCGCTCTAG-5'

Hinter diesen Schnittstellen befinden sich drei Translations-Stopcodons in allen drei Leserastern. Hinter der Polylinkersequenz befindet sich das 2. Intron und das Polyadenylierungssignal des Präproinsulingens der Ratte (Lomedico et al., Cell 18, 545-558, 1979). Das Plasmid enthält ferner den Replikationsursprung des SV40 Virus sowie ein Fragment aus pBR322, das E. coli-Bakterien Ampicillin-Resistenz verleiht und die Replikation des Plasmids in E. coli ermöglicht.

Zur Konstruktion des Expressionsvektors "pN123" wurde dieses Plasmid "pN11" mit der Restriktionsendonuklease PvuII geschnitten und anschliessend mit alkalischer Phosphatase behandelt. Der dephosphorylierte Vektor wurde danach aus einem Agarosegel isoliert (V1). Die 5'-überhängenden Nukleotide des EcoRI-geschnittenen 1,3kb-Fragments der 55 kD TNF-BP-cDNA (siehe Beispiel 8) wurden mit Hilfe von Klenow-Enzym aufgefüllt. Anschliessend wurde dieses Fragment aus einem Agarosegel isoliert (F1). Danach wurden V1 und F1



mittels T4-Ligase miteinander verbunden. E. coli HB101-Zellen wurden dann mit diesem Ligierungsansatz nach bekannten
Methoden [42] transformiert. Mit Hilfe von Restriktionsanalysen und DNA-Sequenzierung nach bekannten Methoden [42]
wurden Transformanten identifiziert, die mit einem Plasmid
transformiert worden waren, welches das 1,3kb EcoRI-Fragment
der 55 kD TNF-BP-cDNA in der für die Expression über den
HCMV-Promotor korrekten Orientierung enthielt. Dieser Vektor
erhielt die Bezeichnung "pN123".

10

Zur Konstruktion des Vektors "pK19" wurde folgendermassen verfahren. Ein DNA-Fragment, welches nur die für den
extrazellulären Teil des 55 kD TNF-BP codierende cDNA
enthält (Aminosäuren -28 bis 182 gemäss Figur 1) wurde
mittels PCR-Technologie erhalten (Saiki et al., Science 230,
1350-1354, 1985, siehe auch Beispiel 8). Die folgenden
Oligonukleotide wurden, um die für den extrazellulären Teil
des 55 kD TNF-BP codierende cDNA aus "pN123" zu amplifizieren, verwendet:

20

. --

BAMHI

5'-CACAGGGATCCATAGCTGTCTGGCATGGGCCTCTCCAC-3'

ASP718

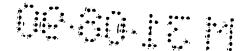
ű

. . . .

3'-CGTGACTCCTGAGTCCGTGGTGTATTATCTCTAGACCATGGCCC-5'

25

Durch diese Oligonukleotide wurden ebenfalls zwei
Stopkodons der Translation hinter Aminosäure 182 eingeführt.
Das so amplifizierte DNA-Fragment wurde mit BamHI und Asp718
30 geschnitten, die hierbei entstandenen überstehenden Enden mit Hilfe des Klenow-Enzyms aufgefüllt und dieses Fragment anschliessend aus einem Agarosegel isoliert (F2). F2 wurde dann mit V1 ligiert und der gesamte Ansatz zur Transformation von E. coli HB101, wie bereits beschrieben, verwendet.
35 Transformanten, die mit einem Plasmid transformiert worden waren, welches das DNA-Fragment in der für die Expression über den HCMV-Promotor korrekten Orientierung enthielten,



wurden mittels DNA-Sequenzierung (s.o.) identifiziert. Das daraus isolierte Plasmid erhielt die Bezeichnung "pK19".

Transfektion der COS-Zellen mit den Plasmiden "pN123" oder "pK19" wurde nach der von Felgner et al. veröffentlichten Lipofections-Methode (Proc. Natl. Acad. Sci. USA 84, 7413-7417, 1987) durchgeführt. 72 Stunden nach erfolgter Transfektion wurden die mit "pN123" transfizierten Zellen nach bekannten Methoden mit 125 I-TNFa auf Bindung analysiert. Das Resultat der Scatchard-Analyse [Scatchard, G., .10 Ann. N.Y. Acad. Sci. 51, 660, 1949] der so erhaltenen Bindungsdaten (Figur 2A) ist in Figur 2B dargestellt. Die Kulturüberstände der mit "pKl9" transfizierten Zellen wurden in einem "Sandwich"-Test untersucht. Dazu wurden PVC-Microtiterplatten (Dynatech, Arlington, VA, USA) mit 15 100 µl/Loch eines Kaninchen-anti-Maus Immunglobulins (10 µg/ml PBS) sensibilisiert. Anschliessend wurde die Platte gewaschen und mit einem anti-55 kD TNF-BP-Antikörper, der gemäss Beispiel 3 durch seine Antigenbindung nachgewiesen und isoliert wurde, der aber die TNF-Bindung an Zellen nicht inhibiert, inkubiert (3 Stunden, 20°C). Die Platte wurde dann wieder gewaschen und über Nacht bei 4°C mit 100 µl/Loch der Kulturüberstände (1:4 verdünnt mit 1% entfetteter Milchpulver enthaltendem Puffer A: 50 mM 25 Tris/HCl pH 7.4, 140 mM NaCl, 5 mM EDTA, 0,02% Na-Azid) inkubiert. Die Platte wurde entleert und mit 125 I-TNFa enthaltendem Puffer A (106 cpm/ml, 100 µl/Loch) mit oder ohne Zusatz von 2 μg/ml unmarkiertem TNF während 2 Stunden bei 4°C inkubiert. Danach wurde die Platte 4 mal mit PBS 30 gewaschen, die einzelnen Löcher wurden ausgeschnitten und in einem γ-Zähler gemessen. Die Resultate von 5 parallelen Transfektionen (Säulen # 2, 3, 4, 6 und 7), von zwei Kontroll-Transfektionen mit dem pN11-Vektor (Säulen # 1, 5) und von einer Kentrolle mit HL60-Zell-Lysat (Säule # 8) sind in Figur 3 dargestellt. 35



Expression in Insektenzellen

5

10

20

Für die Expression in einem Baculovirus-Expressionssystem wurde von dem Plasmid "pVL941" (Luckow und Summers,
1989, "High Level Expression of Nonfused Foreign Genes with
Autographa california Nuclear Polyhedrosis virus Expression
Vectors", Virology 170, 31-39) ausgegangen und dieses
folgendermassen modifiziert. Es wurde die einzige EcoRI-Restriktionsschnittstelle in "pVL941" entfernt, indem das
Plasmid mit EcoRI geschnitten und die überstehenden 5'-Enden
mit Klenow-Enzym aufgefüllt wurden. Das hieraus erhaltene
Plasmid pVL941/E- wurde mit BamHI und Asp718 verdaut und der
Vektorrumpf anschliessend aus einem Agarosegel isoliert.
Dieses Fragment wurde mit einem synthetischen Oligonukleotid
der folgenden Sequenz ligiert:

BamHI ECORI Asp718

5' - GATCCAGAATTCATAATAG - 3'

3' - GTCTTAAGTATTATCCATG - 5'

E. coli HB101 wurde mit dem Ligierungsansatz transformiert und Transformanten, die ein Plasmid enthielten, in
25 welches das Oligonukleotid korrekt eingebaut worden war,
wurden durch Restriktionsanalyse und DNA-Sequenzierung nach
bekannten Methoden (s.o.) identifiziert; dieses Plasmid
wurde "pNR704" genannt. Zur Konstruktion des Transfervektors
"pN113" wurde dieses Plasmid "pNR704" mit EcoRI geschnitten,
30 mit alkalischer Phosphatase behandelt und der so erzeugte
Vektorrumpf (V2) anschliessend aus einem Agarosegel isoliert. Das wie oben mit EcoRI geschnittene 1,3 kb-Fragment
der 55 kD TNF-BP-cDNA wurde mit Fragment V2 ligiert. Mit
diesem Ligierungsansatz erhaltene Transformanten, die ein
35 Plasmid enthielten, welches das cDNA-Insert in der korrekten
Orientierung für die Expression über den Polyhedrinpromotor
enthielten, wurden identifiziert (s.o.). Der daraus iso-



lierte Vektor erhielt die Bezeichnung "pN113".

Zur Konstruktion des Transfervektors "pN119" wurde folgendermassen vorgegangen. Das 1,3 kb EcoRI/EcoRI-Fragment der 55 kD TNF-BP cDNA in dem "pUC19"-Plasmid (siehe Beispiel 8) wurde mit BanI verdaut und mit dem folgenden synthetischen Oligonukleotid ligiert:

BanI Asp718

- 5' GCACCACATAATAGAGATCTGGTACCGGGAA 3'
- 3' GTGTATTATCTCTAGACCATGGCCC 5'

Mit dem obigen Adaptor werden zwei Stopcodons der
Translation hinter Aminosäure 182 und eine Schnittstelle für
die Restriktionsendonuklease Asp718 eingebaut. Nach erfolgter Ligation wurde der Ansatz mit EcoRI und Asp718
verdaut und das partielle 55 kD TNF-BP-Fragment (F3)
isoliert. Weiterhin wurde das ebenfalls mit Asp718 und EcoRI
geschnittene Plasmid "pNR704" mit F3 ligiert und der Ligierungsansatz in E. coli HB101 transformiert. Die Identifikation der Transformanten, welche ein Plasmid enthielten, in
das die partielle 55 kD TNF-BP cDNA korrekt für die Expression integriert worden war, erfolgte wie bereits beschrieben. Das aus diesen Transformanten isolierte Plasmid erhielt
den Namen "pN119".

Zur Konstruktion des Transfervektors "pN124" wurde folgendermassen vorgegangen. Das in Beispiel 9 beschriebene, für den extrazellulären Teil des 55 kD TNF-BP codierende cDNA-Fragment wurde mit den angegebenen Oligonukleotiden mit Hilfe der PCR-Technologie, wie in Beispiel 9 beschrieben, amplifiziert. Dieses Fragment wurde mit BamHI und Asp718 geschnitten und aus einem Agarosegel isoliert (F4). Das Plasmid "pNR704" wurde ebenfalls mit BamHI und Asp718 geschnitten und der Vektorrumpf (V4) wurde isoliert (s.o.). Die Fragmente V4 und F4 wurden ligiert, E. coli HB101 damit transformiert und der rekombinante Transfervektor "pN124"

wurde, wie beschrieben, identifiziert und isoliert.

Zur Transfektion der Insektenzellen wurde folgendermassen vorgegangen. 3 µg des Transfervektors "pN113" wurden mit 1 µg DNA des Autographa californica-Nuklearpolyhedrosisvirus (AcMNPV) (EP 127839) in Sf9-Zellen (ATCC CRL 1711) transfektiert. Polyhedrin negative Viren wurden identifiziert und aus "Plaques" gereinigt [52]. Mit diesen rekombinanten Viren wurden wiederum Sf9 Zellen wie in [52] beschrieben, infiziert. Nach 3 Tagen in Kultur wurden die infizierten Zellen auf Bindung von TNF mittels 125 I-TNF α untersucht. Dazu wurden die transfektierten Zellen mit einer Pasteurpipette von der Zellkulturschale abgewaschen und bei einer Zelldichte von 5x10⁶ Zellen/ml Kulturmedium [52], das 10 ng/ml 125 I-TNF-a enthielt, sowohl in Anwesenheit wie Abwesenheit von 5 μg/ml nichtmarkiertem TNF-α resuspendiert und 2 Stunden auf Eis inkubiert. Danach wurden die Zellen mit reinem Kulturmedium gewaschen und die zellgebundene Radioaktivität in einem γ-Zähler gezählt (siehe 20 Tabelle 2).

Tabelle 2

5	Zellen	Zellgebundene Radioaktivität pro 10 ⁶ Zellen	
	nichtinfizierte Zellen	60 cpm	
	(Kontrolle)	•	
	infizierte Zellen	1600 ± 330 cpm ^l)	

Literatur

5

20

- G.E. Nedwin, S.L. Naylor, A.Y. Sakaguchi, D. Smith, J. Jarrett-Nedwin, D. Pennica, D.V. Goeddel and P.W. Gray: Nucl. Acids Res. <u>13</u>, 6361, 1985
- B. Beutler and A. Cerami: New England J. Med. <u>316</u>, 379, 1987
- 3. L.J. Old: Science 230, 630, 1985
- G. Trinchieri, M. Kobayashi, M. Rosen, R. Loudon, M.
 Murphy and B. Perussia: J. exp. Med. <u>164</u>, 1206, 1986
 - J. Vilcek, V.J. Palombella, D. Henriksen-de Stefano, C. Swenson, R. Feinman, M. Hirai and M. Tsujimoto: J. exp. Med. 163, 632, 1986
- 6. B.J. Sugarman, B.B. Aggarwal, P.E. Hass, I.S. Figari,
 M.A. Palladino and H.M. Shepard: Science 230, 943, 1985
 - 7. J.R. Gamble, J.M. Harlan, S.J. Klebanoff and M.A. Vadas: Proc. Natl. Acad. Sci. USA 82, 8667, 1985
 - 8. N. Sato, T. Goto, K. Haranaka, N. Satomi, H. Nariuchi, Y. Mano and Y. Sawasaki: J. Natl. Cancer Inst. 76, 1113, 1986
 - A.H. Stolpen, E.C. Guinan, W. Fiers and J.S. Pober: Am. J. Pathol. <u>123</u>, 16, 1986
 - J.S. Pober, L.A. Lapierre, A.H. Stolpen, T.A. Brock,
 T.A. Springer, W. Fiers, M.P. Bevilacqua, D.L. Mendrick
 and M.A Gimbrone: J. Immunol. <u>138</u>, 3319, 1987
 - M. Kawakami, P. Pekala, M. Lane and A. Cerami: Proc. Natl. Acad. Sci. USA 79, 912, 1982
 - T. Collins, L.A. Lapierre, W. Fiers, J.L. Strominger and J.S Pober: Proc. Natl. Acad. Sci. USA <u>83</u>, 446, 1986
- 30 13. G.H.W. Wong and D.V. Goeddel: Nature 323, 819, 1986
 - 14. J.W. Lowenthal, D.W.Ballard, E. Böhnlein and W.C. Greene: Proc. Natl. Acad. Sci. USA 86, 2331, 1989
 - 15. M.J. Lenardo, C.M. Fan, T. Maniatis and D. Baltimore: Cell 57, 287, 1989
- 35 16. A.E. Goldfeld and T. Maniatis: Proc. Natl. Acad. Sci. USA <u>86</u>, 1490, 1989



- 17. A. Waage, A. Halsteuren and T. Espevik: Lancet, Febr. 14, 1987, 355,
- 18. C.O. Jacob and H.O. McDevitt: Nature 331, 356, 1988

- 19. G.E. Grau, L.F. Fajardo, P. Piguet, B. Allet, P. Lambert and P. Vassalli: Science 237, 1210, 1987
- 20. B. Beutler, I.W. Milsark and A.C. Cerami: Science 229, 869, 1985
- 21. B.B. Aggarwal, T.E. Eessalu and P.E. Hass: Nature 318, 665, 1985
- 22. M. Tsujimoto, Y.K. Yip and J. Vilcek: Proc. Natl. Acad. Sci. USA 82, 7626, 1985
 - 23. C. Baglioni, S. McCandless, J. Tavernier and W. Fiers: J. Biol. Chem. <u>260</u>, 13395, 1985
- 24. P. Hohmann, R. Remy, M. Brockhaus and A.P.G.M. van Loon:J. Biol. Chem., im Druck
 - 25. F.C. Kull, S. Jacobs and P. Cuatrecasas: Proc. Natl. Acad. Sci. USA <u>82</u>, 5756, 1985
 - 26. A.A. Creasy, R. Yamamoto and Ch.R. Vitt: Proc. Natl. Acad. Sci. USA 84, 3293, 1987
- 27. G.B. Stauber, R.A. Aiyer and B.B. Aggarwal: J. Biol. Chem. <u>263</u>, 19098, 1988
 - 28. K. Hirano, K. Yamamoto, Y. Kobayashi and T. Osawa: J. Biochem. 105, 120, 1989
- 29. Y. Niitsu, N. Watanabe, H. Sone, H. Neda, N. Yamauchi,
 M. Maeda and I. Urushizaki: J. Biol. Resp. Modifiers 7.
 276, 1988
 - I. Olsson, A. Grubb, U. Gullberg, M. Lantz, E. Nilsson,
 C. Peetre and H. Thysell: Abstract, 2nd Intern.
 Conference on Tumor Necrosis Factor and Related
 Cytokines, Napa, California, 15.-20. Januar 1989
 - 31. H.R. Lötscher and M. Brockhaus: Abstract, 2nd Intern. Conference on Tumor Necrosis Factor and Related Cytokines, Napa, California, 15.-20. Januar 1989
- 32. M. Brockhaus, H. Lötscher, H.-P. Hohmann und
 35 W. Hunziker: Abstract, 2nd Intern. Conference on Tumor Necrosis Factor and Related Cytokines, Napa, California, 15.-20. Januar 1989



- C.R. Cantor and P.R. Schimmel, in Biophysical Chemistry,
 W.H. Freeman, ed., San Francisco, 1980, p. 850
- 34. M.W. Hunkapiller, E. Lujan, F. Ostrander, L.E. Hood: Methods Enzymol. 91, 227, 1983
- 5 35. U.K. Lämmli: Nature 227, 680, 1970
 - 36. T.St. John, W.M. Gallatin, M. Siegelman. H.T. Smith, V.A. Fried and I.L. Weissman: Science 231, 845, 1986
 - 37. M. Siegelman, M.W. Bond, W.M. Gallatin, T.St. John, H.T. Smith, V.A. Fried and I.L. Weissman: Science 231, 823, 1986
 - H. Towbin, T. Staehelin and J. Gordon: Proc. Natl. Acad.Sci. USA 76, 4350, 1979
 - Dinarello, Ch.A., in Lymphokines, Vol. 14, E. Pick,
 ed., p. 1, Academic Press, London, 1987
- 15 40. D.J. Merchant, R.H. Kahn and W.H. Murphy: Handbook of Cell and Organ Culture, Burgess Publ. Co., Minneapolis, 1969
 - 41. G.E. Grau, T.E. Taylor, M.E. Molyneux, J.J. Wirima, P. Vassalli, M. Hommel and P. Lambert: New Engl. J. Med. 320, 1586, 1989
 - 42. J. Sambrook, E.F. Fritsch and T. Maniatis: Molecular Cloning, A Laboratory Manual, 2nd ed., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989
- 25 43. F.M. Ausubel, R. Brent, R.E. Kingston, D.D. Moore, J.A. Smith, J.G. Seidman and K. Struhl: Current Protocols in Molecular Biology 1987-1988, S. Wiley and Sons, New York, 1987
- 44. E. Harlow and D. Lane: Antibodies, A Laboratory Manual,
 Cold Spring Harbor Laboratory Publications, New York,
 1988
 - 45. S.Fazekas de St. Groth and D. Scheidegger: J. Immunol. Methods 35, 1, 1980
- 46. D. Pennica and D.V. Goeddel, in Lymphokines, Vol. 13,
 D.R. Webb and D.V. Goeddel, eds. p. 163, Academic Press,
 London, 1987



- 47. J. Tavernier, L. Franzen, A. Marmenout, J. van der Heyden, R. Muller, M. Ruysschaert, A. van Vliet, R. Banden and W. Fiers, in Lymphokines, Vol. 13, D.R. Webb and D.V. Goeddel, eds., p. 181, Academic Press, London
- 5 48. P.J. Fraker and J.C. Speck: Biochem. Biophys. Res. Commun. 80, 849, 1987
 - 49. D.H. Erlich, D.H. Gelfand, R.K. Saiki: Nature 331, 61, 1988
- 50. Bosserhoff, J. Wallach and R.W. Frank: J. Chromatogr. 10 473, 71, 1989
 - 51. R. Lathe: J. Mol. Biol. <u>183</u>, 1, 1985
 - 52. Luckow and Summers, "A Manual of Methods for Baculovirus Vectors and Insect Cell Culture Procedures", Texas Agricultural Experimental Station, Texas A & M University, Bulletin Nr. 1555, 2nd edition, 1988

15

25



<u>Patentansprüche</u>

- Nichtlösliche Proteine und lösliche oder nichtlösliche Fragmente davon, die TNF binden, in homogener Form, sowie deren physiologisch verträgliche Salze.
 - 2. Verbindungen gemäss Anspruch 1, die durch Molekulargewichte gemäss SDS-PAGE unter nichtreduzierenden Bedingungen von etwa 55 kD und 75 kD charakterisiert sind.
 - 3. Verbindungen gemäss einem der Ansprüche 1 und 2. die wenigstens eine der folgenden Aminosäuresequenzen enthalten:
- Leu-Val-Pro-His-Leu-Gly-Asp-Arg-Glu-Lys-Arg-Asp-Ser-Val-Cys-Pro-Gln-Gly-Lys-Tyr-Ile-His-Pro-Gln-X-Asn-Ser-Ile;

Ser-Thr-Pro-Glu-Lys-Glu-Gly-Glu-Leu-Glu-Gly-Thr-Thr-Thr-Lys;

Leu-Pro-Ala-Gln-Val-Ala-Phe-X-Pro-Tyr-Ala-Pro-Glu-Pro-Gly-Ser-Thr-Cys;

Ile-X-Pro-Gly-Phe-Gly-Val-Ala-Tyr-Pro-Ala-Leu-Glu;

Ser-Gln-Leu-Glu-Thr-Pro-Glu-Thr-Leu-Leu-Gly-Ser-Thr-Glu-25 Glu-Lys-Pro-Leu;

. Val-Phe-Cys-Thr;

Asn-Gln-Pro-Gln-Ala-Pro-Gly-Val-Glu-Ala-Ser-Gly-Ala-Gly-30 Glu-Ala;

Leu-Cys-Ala-Pro;

Val-Pro-His-Leu-Pro-Ala-Asp;



Gly-Ser-Gln-Gly-Pro-Glu-Gln-Gln-X-X-Leu-Ile-X-Ala-Pro

wobei X für einen nicht bestimmten Aminosäurerest steht.

- 4. Ein Verfahren zur Isolierung einer Verbindung gemäss einem der Ansprüche 1-3, dadurch gekennzeichnet, dass man im wesentlichen die folgenden Reinigungsschritte nacheinander ausführt: Herstellung eines Zellextraktes, Immunaffinitätschromatographie und/oder ein- oder mehrfache Ligandenaffinitätschromatographie, HPLC und präparative SDS-PASE.
- Pharmazeutische Präparate, dadurch gekennzeichnet, dass sie eine oder mehrere Verbindung(en) gemäss einem der Ansprüche 1-3, gewünschtenfalls in Kombination mit weiteren pharmazeutisch wirksamen Subtanzen und/oder nicht-toxischen, inerten, therapeutisch verträglichen Trägermaterialien enthalten.
- 6. Verwendung einer Verbindung gemäss einem der Ansprüche 1-3 zur Herstellung pharmazeutischer Präparate bzw. zur Behandlung von Krankheiten, bevorzugt solchen, bei denen TNF involviert ist.
- 7. Gegen eine Verbindung gemäss Ansprüche 1-3 gerichtete 25 Antikörper.
 - 8. DNA-Sequenzen, die für Proteine und lösliche oder nichtlösliche Fragmente davon, die TNF binden, kodieren.
- 9. Von DNA-Sequenzen gemäss Anspruch 8 kodierte rekombinante Proteine.
- 10. Vektoren, die DNA-Sequenzen gemäss Anspruch 8 enthalten und zur Expression der von diesen DNA-Sequenzen 35 kodierten Proteinen in prokaryotischen wie eukaryotischen Wirtssystemen geeignet sind.



The U

ll. Prokaryotische- wie eukaryotische Wirtssysteme, die mit einem Vektor gemäss Anspruch 10 transformiert worden sind.

12. Ein Verfahren zur Herstellung von Verbindungen gemäss Anspruch 9, das dadurch gekennzeichnet ist, dass man ein wie in Anspruch 11 beanspruchtes transformiertes Wirtssystem in einem geeigneten Medium kultiviert und aus dem Wirtssystem selbst oder dem Medium solche Verbindungen isoliert.

15

5

10

20

25

30

Unwigned Addles Exemplar Exemplaire invariable Esemplare immutabile



	-185 -125	
	-65	-28.
	-30 -5	TCTGGCATGGGCCTCTCCACCGTGCCTGACCTGCTGCTGCCGCTGGTGCTCCTGGAGCTG
	-10 55	LeuValGlyIleTyrProSerGlyValIleGlyLeuValProHisLeuGlyAspArgGlu TTGGTGGGAATATACCCCTCAGGGGTTATTGGACTGGTCCCTCACCTAGGGGACAGGGAG
	10 115	LysArgAspSerValCysProGlnGlyLysTyrlleHisProGlnAsnAsnSerlleCys AAGAGAGATAGTGTGTCCCCCAAGGAAAATATATCCACCCTCAAAATAATTCGATTTGC
	30	CyeThriveCyeUiciweClambon
	175	CysThrLysCysHisLysGlyThrTyrLeuTyrAsnAspCysProGlyProGlyGlnAsp TGTACCAAGTGCCACAAAGGAACCTACTTGTACAATGACTGTCCAGGCCCGGGGCAGGAT
_	50 235	ThrAspCysArgGluCysGluSerGlySerPheThrAlaSerGluAsnHisLeuArgHis ACGGACTGCAGGGAGTGTGAGAGCGGCTCCTTCACCGCTTCAGAAAACCACCTCAGACAC
	70 295	CysLeuSerCysSerLysCysArgLysGluMetGlyGlnValGluIleSerSerCysThr TGCCTCAGCTGCTCCAAATGCCGAAAGGAAATGGGTCAGGTGGAGATCTCTTCTTGCACA
	90	Val Acad rad camballal construction
	355	ValAspArgAspThrValCysGlyCysArgLysAsnGlnTyrArgHisTyrTrpSerGlu GTGGACCGGGACACCGTGTGTGGCTGCAGGAAGAACCAGTACCGGCATTATTGGAGTGAA
	110	AsnLeuPheGlnCysPheAsnCysSerLeuCysLeuAsnGlyThrValHisLeuSerCys
	415	AACCITITICCAGTGCTTCAATTGCAGCCTCTGCCTCAATGGGACCGTGCACCTCTCCTGC
	130 475	GlnGluLysGlnAsnThrValCysThrCysHisAlaGlyPhePheLeuArgGluAsnGlu CAGGAGAAACAGAACACCGTGTGCACCTGCCATGCAGGTTTCTTTC
	150	CysValSerCysSerAsnCysLysLysSerLeuGluCysThrLysLeuCysLeuProGln
	535	IGIGICICCIGIAGIAACIGTAAGAAAAGCCTGGAGTGCACGAAGTTGTGCCTACCCCAG
	170	IleGluAsnValLysGlyThrGluAspSerGlyThrThrValLeuLeuProLeuVallle
	595	ATT GAGAATGTTAAGGGCACTGAGGACTCAGGCACCACAGTGCTGTTGCCCCTGGTCATT
~	190	PhePheGlyLeuCysLeuLeuSerLeuLeuPheIleGlyLeuMetTyrArgTyrGlnArg
	655	THETTIGGTETT TGCCTTTTATCCCTCCTCTTCATTGGTTTAATGTATCGCTACCAACGG
	210 715	TrpLysSerLysLeuTyrSerIleValCysGlyLysSerThrProGluLysGluGlyGlu TGGAAGTCCAAGCTCTACTCCATTGTTTGTGGGAAATCGACACCTGAAAAAGAGGGGGGAG
	230	· * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
	775	LeuGluGlyThrThrThrLysProLeuAlaProAsnProSerPheSerProThrProGlyCTTGAAGGAACTACTAAGCCCCTGGCCCCAAACCCAAGCTTCAGTCCCACTCCAGGC
	250	PheThrProThrLeuGlyPheSerProVolDresses
	835	PheThrProThrLeuGlyPheSerProValProSerSerThrPheThrSerSerSerThr TTCACCCCCACCTGGGCTTCAGTCCCGTGCCCAGCTTCACCTCCAGCTCCACC
	270	TyrThrProGlyAspCysProAsnPheAlaAlaProArgArgGluValAlaProProTyr
`		- THE STREET OF THE CONTROL OF THE STREET OF
	290	GlnGlyAlaAspProIleLeuAlaThrAlaLeuAlaSerAspProIleProAsnProLeu.
	-955	CAGGGGCTGACCCCATCCTTGCGACAGCCCTCGCCTCCGACCCCATCCCCAACCCCCTT

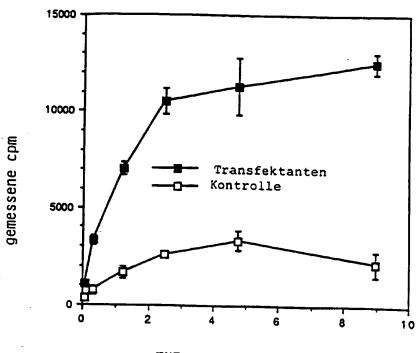


1915 AACCCGAATTC

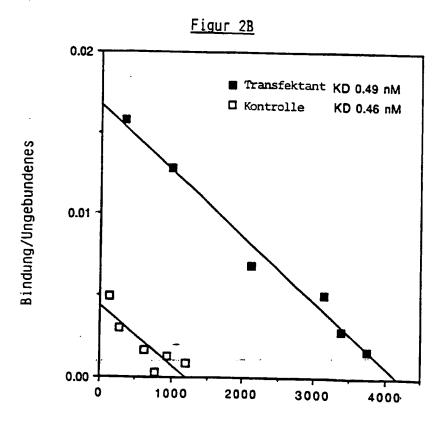


310 GlnLysTrpGluAspSerAlaHisLysProGlnSerLeuAspThrAspAspProAlaThr CAGAAGTGGGAGGACAGCGCCCACAAGCCACAGAGCCTAGACACTGATGACCCCGCGACG 350 GlyLeuSerAspHisGluIleAspArgLeuGluLeuGlnAsnGlyArgCysLeuArgGlu 1135 AlaGlnTyrSerMetLeuAlaThrTrpArgArgArgThrProArgArgGluAlaThrLeu ${\tt GluLeuLeuGlyArgValLeuArgAspMetAspLeuLeuGlyCysLeuGluAspIleGluA$ 1255 GAGCTGCTGGGACGCGTGCTCCGCGACATGGACCTGCTGGGCTGCCTGGAGGACATCGAG 410 GluAlaLeuCysGlyProAlaAlaLeuProProAlaProSerLeuLeuArg 1315 GAGGCGCTTTGCGGCCCGCCCCCCCCCCCCCCCCAGTCTTCTCAGATGAGGCTGC 1375 GCCCCTGCGGGCAGCTCTAAGGACCGTCCTGCGAGATCGCCTTCCAACCCCACTTTTTTC 1435 TGGAAAGGAGGGTCCTGCAGGGGCAAGCAGGAGCTAGCAGCCGCCTACTTGGTGCTAAC 1495 CCCTCGATGTACATAGCTTTTCTCAGCTGCCTGCGCCGCCGACAGTCAGCGCTGTGCG 1615 ACGCTATGCCTCATGCCCGTTTTGGGTGTCCTCACCAGCAAGGCTGCTCGGGGGCCCCTG 1735 GTTTTGTTTTTAAATCAATCATGTTACACTAATAGAAACTTGGCACTCCTGTGCCCTCTG 1795 CCTGGACAAGCACATAGCAAGCTGAACTGTCCTAAGGCAGGGGCGAGCACGGAACAATGG 1855

Figur 2A



TNF-Konzentration (nM)



Bindung/Zelle



Figur 3

Sandwich - Test

